

Query Match 52.0%; Score 3614; DB 1; Length 1201;
Best Local Similarity 55.5%; Pred. No. 1.1e-180;
Matches 665; Conservative 145; Mismatches 236; Indels 152; Gaps 17;

```
QY 37 DYGVTVPCSTDFRGRFLSHVVSGPAAASAGSMVVDTPPTLPRHSSHLR-----VARSPHL 91
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
Db 37 EYELVTPVSTNLEGRYLSHTLS-----ASHKKRSARDVSSNP-- 73

QY 92 PGGTLWPGRVGRHSLYFNVTVFGEKELHLRLRPNRRLVVPVGSSEWQE----- 138
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
Db 74 -----EQLFFNITAFGKDFHLRLKPNTQLVAPGAVVEWHETSLVPGNITDPIN 121

QY 139 -----DFRELFRQPLRQECVYTGGVGTGMPGAAVAISNCDGLAGLIRTDSTDFIEPLE 191
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
Db 122 NHQPGSATYRIRKTEPLQTNCAIVGDIWDIPGTSVAISNCDGLAGMIKSDNEEYFIEPLE 181

QY 192 RGQOEKEASGRTHVVYRREAVQGEWAEPDGLH---NEAFGLGDLNLLGLVGDQLGDT 248
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
Db 182 RGKQMEEEKGRHVVYKRSVEQAPIDMSKDFHYRESDEGLDDLGTVYGNHQQNLNETM 241

   249 RKRHRHAKPGSYSIEVLLVDDSVVRFHGKEHVQNYVLTLMNIVDEIYHDESLGVHINIAL 308
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
   242 RRRRHAGENDYNIIEVLLGVDDSVVRFHGKEHVQNYLLTLMNIVNEIYHDESLGVHINVVL 301

QY 309 VRLIMVGYRQSLSLIERGNPSRSLEQVCRWAHSQQRQDPASHAEHHDHVFLTRQDFGPS- 367
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
Db 302 VRMIMLGYAKSISLIERGNPSRSLENVCRWASQQQSDLNHSEHHDHAIFLTRQDFGPAG 361

QY 368 --GYAPVTGMCHPLRSCALNHEDGFSSAFVIAHETGHVLMGMEHDGQGNCADETSLSGVM 425
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
Db 362 MQGYAPVTGMCHPVRSCALNHEDGFSSAFVIAHETGHVLMGMEHDGQGNRCDETSLSGVM 421

QY 426 APLVQAAFHRHWSRCSKLELSRYLPSYDCLDDPDPAPWPQPELPGINYSMDEQCRFD 485
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
Db 422 APLVQAAFHRHWSRCSGQELKRYIHSYDCLDDPDPDHPKLPPELPGINYSMDEQCRFD 481

QY 486 FGSGYQTCLAFRTFEPCKQLWCSDPNPYFCKTKKGPPLDGTCEAPGKWCFCGHCWKSP 545
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
Db 482 FGVGYKMCATFRTFDPCKQLWCSDPNPYFCKTKKGPPLDGTCEAPGKWCFCGHCWKNA 541

QY 546 EQTYGQDGGWSSWTKFGSCSRSCGGGVRSRSCNNPSPAYGGRPCLGPMFEYQVCNSEE 605
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
Db 542 NQ-QKQDGNWGSWTKFGSCSRSCGGGVRSRSCNNPSPAYGGRPCLGPMFEYQVCNTEE 600

QY 606 CPGTYEDFRAQQCAKRNYSYVHQNAKHSWVPEPDDAQKCELCQASDTGDVVFMMQVV 665
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
Db 601 CQKHFEFRAQQCQQRNSHFYQNTKHHWLPYEHPDPKKRCHLYCQSKETGDVAYMKQLV 660

QY 666 HDGTRCSYRDPYSVCARGECVPVGCDEKVGSMKADDKCGVCGGDNSHCRTVKGTGKASK 725
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
Db 661 HDGTHCSYKDPYSICVRGECVKVGCDEKIGSNKVEDKCGVCGGDNSHCRTVKGTFTTRTPR 720

QY 726 QAGALKLVQIPAGARHIQIEALEKSPHRSVVKVQVTGSFILNPKGKEATSRTFTAMGLEW 785
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
Db 721 KLGYLKMFIDIPGARHVLIQDEASPHILAIKNQATGHYILNGKGEEAKSRTFIDLGVEW 780

QY 786 EDAVEDAKESLTKSGPLPEAIAIALPPTEGGPRSSLAYKYVIHEDLLPLIGSNNVLEE 845
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
Db 781 DYNIEDDIESLHTDGPLHDPVILII-PQENDTRSSLTYKIIHEDSVPTINSNNVQEE 839

QY 846 MDTYEWALKSWAPCSKACGGGIQFTKYGCRRRRDHMHVQRHLCDHKKRKPPIRRRCNQHP 905
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
Db 840 LDTFEWALKSWQVSKPCGGGFQYTKYGCRRKSDNKMVHRSFCEANKKPKPIRRMCNIQE 899

QY 906 CSQPVWVTEEWGACSRSCGKLGVTGRIQCLLPLSNGTHKVMKACAGDRPEARRPCLR 965
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
Db 900 CTHPLWVAEWEHCTKTCGSSGYQLRTVRCLQLLDGTNRSVHSKYCMGDRPESRRPCNR 959

QY 966 VPCPAQWRLGAWSQCSATCGEGIQQRQVVCRTNANSLGHCEGDRPDTVQVCSLPACGGNH 1025
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
Db 960 VPCPAQWKTGPWSECSVTCGEGTEVRQVLCRAG---DHCDGEKPESVRACQLPPCND-- 1013

QY 1026 QNSTVRADVWELGTPEGQWVPQSGPLHPINKISSMCAAEPTGDRSVFCQMEVLDRYCSI 1085
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
Db 1014 -----EPCLGDKSIFCQMEVLARYCSI 1035

QY 1086 PGYHRLCCVSCIKKASG-----PNPGPDPG---PTSLPPF--STPG- 1121
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
Db 1036 PGYNKLCCESCSRSSTLPPPYLLEAAETHDDVISNPSDLPRSLVMPSTSLVPYHSETPAK 1095

QY 1122 -----SPLPGPDADAAEPPGKPTGSEDHQHGRATQLPGALDT-----SSPGTQ 1166
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
Db 1096 KMSLSSISSVGGPNAYA-AFRPNKSPDGANLRQ--RSAQQAGSKTVRLVTVPSPPPTK 1150
```

ATSS3_HUMAN
 ID ATSS3_HUMAN STANDARD; PRT; 1201 AA.
 AC 015072;
 DT 16-OCT-2001 (Rel. 40, Created)
 DT 16-OCT-2001 (Rel. 40, Last sequence update)
 DT 16-OCT-2001 (Rel. 40, Last annotation update)
 DE ADAMTS-3 precursor (EC 3.4.24.-) (A disintegrin and metalloproteinase
 DE with thrombospondin motifs 3) (ADAM-TS 3) (ADAM-TS3) (Fragment).
 GN ADAMTS3 OR KIAA0366.
 OS Homo sapiens (Human).
 OC Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
 OC Mammalia; Eutheria; Primates; Catarrhini; Hominidae; Homo.
 OX NCBI_TaxID=9606;
 RN [1]
 RP SEQUENCE FROM N.A.
 RC TISSUE=Brain;
 RX MEDLINE=97349984; PubMed=9205841;
 RA Nagase T., Ishikawa K.-I., Nakajima D., Ohira M., Seki N.,
 RA Miyajima N., Tanaka A., Kotani H., Nomura N., Ohara O.;
 RT "Prediction of the coding sequences of unidentified human genes. VII.
 RT The complete sequences of 100 new cDNA clones from brain which can
 RT code for large proteins in vitro."
 RL DNA Res. 4:141-150(1997).
 CC -! COFACTOR: BINDS 1 ZINC ION (BY SIMILARITY).
 CC -! SUBCELLULAR LOCATION: SECRETED. ASSOCIATED WITH THE EXTRACELLULAR
 CC MATRIX (BY SIMILARITY).
 CC -! DOMAIN: THE SPACER DOMAIN AND THE TSP TYPE-1 DOMAINS ARE IMPORTANT
 CC FOR A TIGHT INTERACTION WITH THE EXTRACELLULAR MATRIX.
 CC -! PFM: THE PRECURSOR IS CLEAVED BY A FURIN ENDOPEPTIDASE (BY
 CC SIMILARITY).
 CC -! SIMILARITY: BELONGS TO PEPTIDASE FAMILY M12B.
 CC -! SIMILARITY: CONTAINS 1 DISINTEGRIN-LIKE DOMAIN.
 CC -! SIMILARITY: CONTAINS 4 TSP TYPE-1 DOMAINS.
 CC -! CAUTION: HAS SOMETIMES BEEN REFERRED TO ADAMTS4.
 CC -----
 CC This SWISS-PROT entry is copyright. It is produced through a collaboration
 CC between the Swiss Institute of Bioinformatics and the EMBL outstation -
 CC the European Bioinformatics Institute. There are no restrictions on its
 CC use by non-profit institutions as long as its content is in no way
 CC modified and this statement is not removed. Usage by and for commercial
 CC entities requires a license agreement (See <http://www.isb-sib.ch/announce/>
 CC or send an email to license@isb-sib.ch).
 CC -----
 DR EMBL; AB002364; BAA20821.1; -.
 DR MEROPS; M12.220; -.
 DR MIM; 605011; -.
 DR InterPro; IPR001762; Disintegrin.
 DR InterPro; IPR002870; Pep_M12B_propep.
 DR InterPro; IPR001590; Reprolysin.
 DR InterPro; IPR000884; TSP1.
 DR InterPro; IPR000130; Zn_MTpeptdse.
 DR Pfam; PF01562; Pep_M12B_propep; 1.
 DR Pfam; PF01421; Reprolysin; 1.
 DR Pfam; PF00090; tsp_1; 4.
 DR SMART; SM00209; TSP1; 4.
 DR PROSITE; PS50215; ADAM_MEPRO; 1.
 DR PROSITE; PS50092; TSP1; 2.
 DR PROSITE; PS00142; ZINC_PROTEASE; FALSE_NEG.
 DR PROSITE; PS00427; DISINTEGRIN_1; FALSE_NEG.
 KW Hydrolase; Metalloprotease; Zinc; Signal; Glycoprotein; Zymogen;
 KW Repeat; Extracellular matrix; Heparin-binding.
 FT NON_TER 1 1
 FT SIGNAL <1 ? POTENTIAL.
 FT PROPEP ? 245 BY SIMILARITY.
 FT CHAIN 246 1201 ADAMTS-3.
 FT METAL 394 394 ZINC (CATALYTIC) (BY SIMILARITY).
 FT ACT_SITE 395 395 BY SIMILARITY.
 FT METAL 398 398 ZINC (CATALYTIC) (BY SIMILARITY).
 FT METAL 404 404 ZINC (CATALYTIC) (BY SIMILARITY).
 FT DOMAIN 466 546 DISINTEGRIN-LIKE.
 FT DOMAIN 547 603 TSP TYPE-1 1.
 FT DOMAIN 604 708 CYS-RICH.
 FT DOMAIN 709 840 SPACER.
 FT DOMAIN 841 898 TSP TYPE-1 2.
 FT DOMAIN 899 961 TSP TYPE-1 3.
 FT DOMAIN 962 1013 TSP TYPE-1 4.
 FT DOMAIN 242 245 POLY-ARG.
 FT CARBOHYD 79 79 N-LINKED (GLCNAC. . .) (POTENTIAL).
 FT CARBOHYD 115 115 N-LINKED (GLCNAC. . .) (POTENTIAL).
 FT CARBOHYD 238 238 N-LINKED (GLCNAC. . .) (POTENTIAL).
 FT CARBOHYD 341 341 N-LINKED (GLCNAC. . .) (POTENTIAL).
 FT CARBOHYD 471 471 N-LINKED (GLCNAC. . .) (POTENTIAL).
 FT CARBOHYD 810 810 N-LINKED (GLCNAC. . .) (POTENTIAL).
 FT CARBOHYD 938 938 N-LINKED (GLCNAC. . .) (POTENTIAL).
 SQ SEQUENCE 1201 AA; 135113 MW; D54EA92BD506A3AA CRC64;